

1/13

Figure 1 : Alignment of the BASB109 polynucleotide sequences.**Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.**

```

*           20           *
Seqid1 : ATGTCTAAGCCTACTTTGATAAAAACAACC : 30
Seqid3 : ..... : 30

```

```

           40           *           60
Seqid1 : TTAATTTGTGCCTTAAGTGCATTGATGCTC : 60
Seqid3 : ..... : 60

```

```

           *           80           *
Seqid1 : AGTGGTTGTAGCAATCAAGCGGACAAAGCC : 90
Seqid3 : ..... : 90

```

```

           100           *           120
Seqid1 : GCCCAGCCAAAAAGCAGCACGGTAGACGCT : 120
Seqid3 : ..... : 120

```

```

           *           140           *
Seqid1 : GCCGCCAAGACAGCAAATGCAGATAATGCT : 150
Seqid3 : ..... : 150

```

```

           160           *           180
Seqid1 : GCCTCACAAGAACATCAAGGCGAGCTGCCT : 180
Seqid3 : ..... : 180

```

```

*           200           *

```

2/13

Seqid1 : GTCATTGATGCCATTGTTACGCATGCACCA : 210
Seqid3 : : 210

220 * 240
Seqid1 : GAAGTTCCACCACCTGTTGACCGTGACCAC : 240
Seqid3 : : 240

* 260 *
Seqid1 : CCCGCCAAAGTGGTGGTAAAAATGGAAACC : 270
Seqid3 : : 270

280 * 300
Seqid1 : GTTGAAAAAGTCATGCGTCTGGCAGATGGC : 300
Seqid3 : : 300

* 320 *
Seqid1 : GTGGAATATCAGTTTTGGACATTGGCGGT : 330
Seqid3 : : 330

340 * 360
Seqid1 : CAAGTTCCAGGGCAGATGATTCGTGTGCGT : 360
Seqid3 : : 360

* 380 *
Seqid1 : GAAGGCGACACCATCGAAGTGCAGTTCTCA : 390
Seqid3 : : 390

3/13

400 * 420
Seqid1 : AACCACCCAGATTCAAAAATGCCCCATAAT : 420
Seqid3 : : 420

* 440 *
Seqid1 : GTTGACTTTCACGCTGCCACAGGGCCTGGC : 450
Seqid3 : : 450

460 * 480
Seqid1 : GGCGGGGCAGAAGCGTCATTTACCGCACCG : 480
Seqid3 : : 480

* 500 *
Seqid1 : GGTCATACATCAACCTTTAGTTTTAAAGCC : 510
Seqid3 : : 510

520 * 540
Seqid1 : TTACAGCCTGGTTTGTATGTCTATCACTGT : 540
Seqid3 : : 540

* 560 *
Seqid1 : GCGGTTGCCCCTGTTGGCATGCACATTGCT : 570
Seqid3 : : 570

580 * 600
Seqid1 : AATGGCATGTATGGTTTGATTTTGGTTGAA : 600
Seqid3 : : 600

4/13

* 620 *

Seqid1 : CCAAAAGAGGGCTTGCCAAAAGTAGATAAA : 630

Seqid3 : : 630

640 * 660

Seqid1 : GAATACTATGTCATGCAAGGCGACTTTTAT : 660

Seqid3 : : 660

* 680 *

Seqid1 : ACCAAAGGCAAATATGGCGAACAAGGTCTA : 690

Seqid3 : : 690

700 * 720

Seqid1 : CAGCCCTTTGATATGGAAAAAGCCATTCGA : 720

Seqid3 : : 720

* 740 *

Seqid1 : GAAGATGCTGAATATGTTGTCTTTAATGGT : 750

Seqid3 : : 750

760 * 780

Seqid1 : TCGGTGGGGGCGTTGACTGGTGAAAATGCT : 780

Seqid3 : : 780

* 800 *

Seqid1 : CTAAAAGCCAAGGTTGGCGAAACTGTTCGC : 810

Seqid3 : : 810

5/13

820 * 840
Seqid1 : TTATTTGTGGGTAACGGCGGCCCGAATTG : 840
Seqid3 : : 840

* 860 *
Seqid1 : ACATCATCATTCCATGTCATTGGTGAGATT : 870
Seqid3 : : 870

880 * 900
Seqid1 : TTTGATAAGGTTCACTTTGAGGGTGGTAAG : 900
Seqid3 : : 900

* 920 *
Seqid1 : GGTGAAAACCACAATATCCAAACCACGCTA : 930
Seqid3 : : 930

940 * 960
Seqid1 : ATCCCAGCAGGTGGCGCTGCCATCACTGAA : 960
Seqid3 : : 960

* 980 *
Seqid1 : TTTAAGGTGGATGTGCCGGGTGATTATGTC : 990
Seqid3 : : 990

1000 * 1020
Seqid1 : TTGGTTGACCATGCCATCTCCGTGCCTTT : 1020
Seqid3 : : 1020

6/13

* 1040 *

Seqid1 : AACAAAGGGGCATTGGGCATACTTAAGGTG : 1050

Seqid3 : : 1050

1060 * 1080

Seqid1 : GAAGGTGAAGAAAATCATGAGATTATTC : 1080

Seqid3 : : 1080

* 1100 *

Seqid1 : CACAAACAAACAGACGCTGTCTATCTGCCA : 1110

Seqid3 : : 1110

1120 * 1140

Seqid1 : GAGGGTGCCCCACAAGCAATTGATACCCAA : 1140

Seqid3 : : 1140

* 1160 *

Seqid1 : GAAGCACCCAAAACACCTGCACCTGCCAAC : 1170

Seqid3 : : 1170

1180 * 1200

Seqid1 : TTACAAGAGCAGATTAAAGCAGGTAAGGCA : 1200

Seqid3 : : 1200

* 1220 *

Seqid1 : ACCTATGACTCTAACTGTGCTGCTTGTCAC : 1230

Seqid3 : : 1230

7/13

1240 * 1260
Seqid1 : CAACCTGATGGTAAAGGCGTGCCAAACGCT : 1260
Seqid3 : : 1260

* 1280 *
Seqid1 : TTCCCACCGCTTGCCAACTCTGACTATCTG : 1290
Seqid3 : : 1290

1300 * 1320
Seqid1 : AACGCCGACCACGCTCGTGCCGCCAGCATC : 1320
Seqid3 : : 1320

* 1340 *
Seqid1 : GTGGCAAATGGATTGTCTGGTAAGATTACC : 1350
Seqid3 : : 1350

1360 * 1380
Seqid1 : GTCAATGGCAACCAATATGAAAGCGTCATG : 1380
Seqid3 : : 1380

* 1400 *
Seqid1 : CCTGCGATTGCTCTGAGCGACCAACAGATT : 1410
Seqid3 : : 1410

1420 * 1440

8/13

Seqid1 : GCCAATGTCATCACCTACACGCTTAACAGC : 1440
Seqid3 : : 1440

* 1460 *
Seqid1 : TTTGGTAACAAAGGCGGTCAACTCAGTGCA : 1470
Seqid3 : : 1470

1480 * 1500
Seqid1 : GACGATGTGGCAAAAGCCAAAAAACCAAG : 1500
Seqid3 : : 1500

Seqid1 : CCAAAGTGA : 1509
Seqid3 : : 1506

9/13

Figure 2 : Alignment of the BASB109 polypeptide sequences.**Identity to SeqID N :2 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.**

```
Seqid2 : MSKPTLIKTTLICALSALMLSGCSNQADKA : 30
Seqid4 : ..... : 30

          40          *          60
Seqid2 : AQPKSSTVDAAAKTANADNAASQEHQGELP : 60
Seqid4 : ..... : 60

          *          80          *
Seqid2 : VIDAIVTHAPEVPPPVD RDHPAKVVVKMET : 90
Seqid4 : ..... : 90

        100          *          120
Seqid2 : VEKVMRLADGVEYQFWTFGGQVPGQMIRVR : 120
Seqid4 : ..... : 120

          *          140          *
Seqid2 : EGD TIEVQFSNHPDSKMPHNVDFAATGPG : 150
Seqid4 : ..... : 150

        160          *          180
Seqid2 : GGAEASFTAPGHTSTFSFKALQPGLYVYHC : 180
```

10/13

Seqid4 : : 180

* 200 *

Seqid2 : AVAPVGMHIANGMYGLILVEPKGLPKVDK : 210

Seqid4 : : 210

220 * 240

Seqid2 : EYYVMQGDFYTKGKYGEQGLQPFDMKPAIR : 240

Seqid4 : : 240

* 260 *

Seqid2 : EDAEYVVFNGSVGALTGENALKAKVGETVR : 270

Seqid4 : : 270

280 * 300

Seqid2 : LFVGNGGPNLTSSFHVIGEIFDKVHFEGGK : 300

Seqid4 : : 300

* 320 *

Seqid2 : GENHNIQTTLIPAGGAAITEFKVDVPGDYV : 330

Seqid4 : : 330

11/13

340 * 360

Seqid2 : LVDHAIFRAFNKGALGILKVEGEENHEIYS : 360

Seqid4 : : 360

* 380 *

Seqid2 : HKQTDVYLP EGAPQAIDTQEAPKTPAPAN : 390

Seqid4 : : 390

400 * 420

Seqid2 : LQEQIKAGKATYDSNCAACHQPDGKGV PNA : 420

Seqid4 : : 420

* 440 *

Seqid2 : FPPLANSDYLNADHARAASIVANGLSGKIT : 450

Seqid4 : : 450

460 * 480

Seqid2 : VNGNQYESVMPAIALSDQQIANVITYTLNS : 480

Seqid4 : : 480

* 500

WO 01/1996

PCT/EP00/09035

12/13

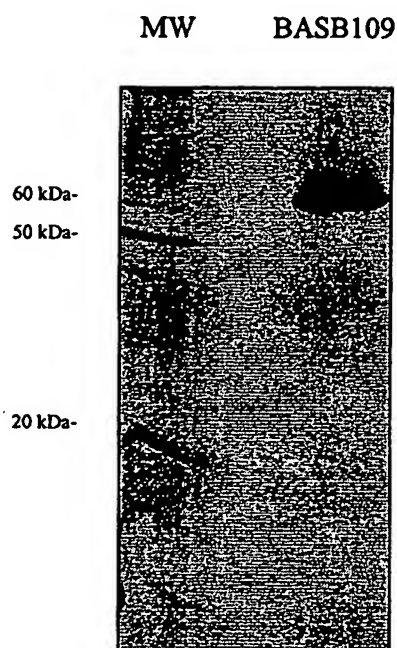
Seqid2 : FGKKGQLSADDVAKAKKTKPN : 502

Seqid4 : : 502

13/13

Figure 3-A: Coomassie stained SDS-polyacrylamide gel of purified BASB109

Figure 3-B: Western-blotting of purified BASB109 (anti-His antibody).

Fig. 3-AFig. 3-B